



FIGURE 1A

ATGGGGTTCCATGCGTCTATT 20  
M G S M R L L

----- prx9+ ----->  
AGTAGTGGCATTGTTGTGTGCAITTTGCTATGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCA 80  
V V A L L C A F A M H A G F S V S Y A Q 1  
signal sequence

GCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGT 140  
L T P T F Y R E T C P N L F P I V F G V 21

----- prx12+ ----->  
AATCTTCGATGCTTCTTTTACCGATCCCCGAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTT 200  
I F D A S F T D P R I G A S L M R L H F 41  
active site

I <-----  
TCATGATTGCTTTGTTCAAG GTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAAT 260  
H D C F V Q G C D G S V L L N N T D T I 61

--prx10- --- ----- prx2+ ----->  
AGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAA 320  
E S E Q D A L P N I N S I R G L D V V N 81

TGACATCAAGACAGCGGTGGAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATTCT 380  
D I K T A V E N S C P D T V S C A D I L 101

II  
TGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTG GGAGGAGGTCCAGGATGGCCAGTTCCATT 440  
A I A A E I A S V L G G G P G W P V P L 121

AGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCTTGCAAATCAAAACCTTCCAGCACC 500  
G R R D S L T A N R T L A N Q N L P A P 141

TTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGA 560  
F F N L T Q L K A S F A V Q G L N T L D 161

III  
TTTAGTTACACTCTCAG GTGGTCATACGTTTGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAATAA 620  
L V T L S G G H T F G R A R C S T F I N 181  
heme-binding domain

CCGATTATACAACCTTCAGCAACACTGGAAACCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTT 680  
R L Y N F S N T G N P D P T L N T T Y L 201

AGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCCAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGA 740  
E V L R A R C P Q N A T G D N L T N L D 221

CCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGG 800  
L S T P D Q F D N R Y Y S N L L Q L N G 241



FIGURE 1B

CTTACTTCAGAGTGACCAAGAACTTTTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTTCCATTGT 860  
L L Q S D Q E L F S T P G A D T I P I V 261

<----- prx6- -----

CAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAA 920  
N S F S S N Q N T F F S N F R V S M I K 281

AATGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAATGTAATTT 980  
M G N I G V L T G D E G E I R L Q C N F 301

TGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTAGCTAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCT 1040  
V N G D S F G L A S V A S K D A K Q K L 321

TGTTGCTCAATCTAAATAAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAA 1100  
V A Q S K \* 326

AGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTG 1160

TGCATGTCAATTCGATTTTGCCATGTACCTCTTGGAATATTATGTAATAATTATTTGAAT 1220

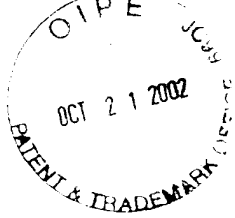
CTCTTTAAGGTACTTAATTAATC (A) n



FIGURE 2A

10 20 30 40 50 60

1 GCATCATATCATAAACAATACGTACGTGATATTATCTAGTGTCTCTCAGTTTACTTTATG  
61 AGAAATTATTTTTCTTTAAAAAAGTTAATTAATAAAAAACATTTGCGATACCGTGAGTTA  
121 CAAGAAATCCGCCGAATTCATCTCTATAAATAAAAGGATCTATATGAGAGGTAAAATCAT  
181 ATTAAC TCAAAATGGGTTCATGCGTCTATTAGTAGTGGCATTGTTGTGTGCATTTGCTA  
241 TGCATGCAGGTTTTTCAGTCTCTTATGCTCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACAT  
301 GTCCAAATCTGTTCCCTATTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTACCGATCCCC  
361 GAATCGGGGCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGTACGTACTT  
421 TTTTTCCTTCCAAAATGCCCTGCATATTTAACAAGATTGCTTTGTTCACTTAGAAAA  
481 ATGTGTTTTTTTCAACGATCTTACGTACGTTTGTGTTGGTTTGAAAAATAAATCAGAAAGA  
541 GATCAAGAAAAATAGCTAGAAAGAAAGCAACGTTTTTTTAAAAGGTATTTAGTGTGAGAAA  
601 AATATTAAAACTGAAGAGAAAGAAATTAATAAGCTTTTCTTGAATGATATTTACATGTC  
661 TTATTAACTTAAAGTCACCTTTTTTCTTTAAGTTGTGCTTGAAGAAAAAAGATGCTTTTC  
721 AGTTTAGTTTTGATTAATGCTAATTATATTTTTAATTAATTAATTAATACTATATATCTA  
781 TTTACCATATTAATTATTACTATATTTTCATGATGACAACAGACAAGTATTCTAAAGAGGT  
841 ATCGGTAGATGATTAATTTTTTTATAAAAAAATCTTTTGCGTGTATAGATAATCTTTAT  
901 AATTGGTGCAGAACTTGTAATGCTAATTGCAATTAATCTTACATTGATTAACATAATAGC  
961 TATAATCAATATTTAGGTTAGGTATAGGAGACAAATCAAGTGATCTGAACAAATTAAGTT  
1021 GTTATATTTGCATTGTGACAGGGTTGTGATGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACA  
1081 ATAGAAAGCGAGCAAGATGCACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTTGGACGTTGTC  
1141 AATGACATCAAGACAGCGGTGGAAAAATAGTTGTCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATATT  
1201 CTTGCTATTGCAGCTGAAATAGCTTCTGTTCTGGTAATTAATAACTCCTAATTAATCCC  
1261 AACCATTAAAAAGTTGCATGATTGGATTCAAAATTTCTATGGTATTTGGGGTTCTGATATA  
1321 ATTTGTAATTAATTTGCACTAAAAAAATTTATCATATACTTTTAATAAAAAAATTTATC  
1381 TAATTTAATTTATTATTAAAACTATTTTAAAAATTCAAATCCTAACTCTTTTTTAATCGGA  
1441 GCATGTAAGCTGGCACCCACCGTATATCGTTGGAAGATGCTATAAAACCATTTAATTAAT  
1501 GGATGGAATCAGTCAAAACATTTAATTCAAAAATACTCTTAATTGTGATTAGTAATCATGT  
1561 TCGGGCAAGTTACGTTGTGTATAATTAATTTGACTTAATCAGATAAAAAAACAATGGAC  
1621 GCAAGCCGGTTGGTATAGATATCACTGGCCTGTAGAATATGTGGTTTTTTCAGTTTTAAT  
1681 AAAAGCTAGCTACTATATTATATTTAGTCTTTTTTTTTCTTAAACCCATTTAACGTGATT  
1741 TATTGACTGTGAAACATGTTTCCACACACAGGCTTAGAACTCCTCGCAACTAACATCTC  
1801 CAAAATTTGACTATTTATTTATGAAGATAATTCATCTATGATGTTCAACTCTATTATATA  
1861 TATGTATCATCGCAGTATTAAGAATTATAATAGTCAAATATAGAAGTATATCGGGTAAAT  
1921 GTAGTTGCATGTGCGACCTGTTTCGTGTAAAAATGCTTATTCTATATAGCTTTTTTTATTG  
1981 GAAAATAACGATGAACTAAAAACGAAAGGGTATCATATAGTTTGACTTTTATGTTAGAGA  
2041 GAGACATCTTAATTTGGTCATATGTTAAATAATTAAATFACAAATGCATACACAAATATTTA  
2101 TGCCATATCTAAAAAATGATAAAATATCATAGGTATACTCAACTATATGATATCCCCATA  
2161 ACAGAAATTTGACTTTTTCTTCAGGCAATGAACTTAACAATTTCTGTTTGCTAAAAACAAAC  
2221 ATCCACTTAAAGTGGTTCAACATATTTATGTAATAATTTACAGGGAGGAGGTCCAGGATG



## FIGURE 2B

2281 GCCAGTTCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCTTGCAAATCAAAA  
2341 CCTTCCAGCACCTTTCTTCAACCTCACTCAACTTAAAGCTTCCTTTGCTGTTCAAGGTCT  
2401 CAACACCCCTTGATTTAGTTACACTCTCAGGTATACATAATCAATTTTTTATTTGCTATTA  
2461 GCTAGCAATAAAAAAGTCTCTGATACAGACATATTTAGATAAAATTAATTTCTCCATAAACA  
2521 TTTATAATAAAAATTATCAATTTATGTACTTAAAAATTATGGATTGAAGCTCTTTTCATCC  
2581 AACTTTTACTAAAGTTAAGGTGCATATAATATAAAATAAACTATCTCTTTGTTTCTTATAA  
2641 AAAGATTGAAGATAAGTTAAAGTCTACTTATAAATCATTAATATATGTATAGGTGGTCAT  
2701 ACGTTTGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCTATAAACCGATTATACAACCTTCAGCAACACT  
2761 GGAAACCCCTGATCCAACCTCTGAACACAACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCC  
2821 CAGAATGCAACTGGGGATAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGAC  
2881 AACAGATACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAAGCTT  
2941 TTCTCCACTCCTGGTGCTGATACCATTCCCATTGTCAATAGCTTCAGCAGTAACCAGAAT  
3001 ACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAAATGGGTAATATTGGAGTGCTGACT  
3061 GGGGATGAAGGAGAAAATTCGCTTGCAATGTAATTTTGTGAATGGAGACTCGTTTGGATTA  
3121 GCTAGTGTGGCGTCCAAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTTGCTCAATCTAAATAAACCAAT  
3181 AATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAATTAGGTTGTAAACCTCTT  
3241 TGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTAGTGTGCATGTCAATTCGATTTTGCCATG  
3301 TACCTCTTGGAATATTATGTAATAATTATTTGAATCTCTTTAAGGTACTTAATTAATCA

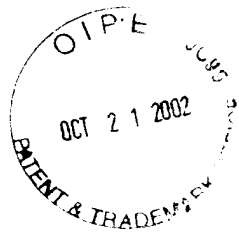


FIGURE 3A - (1)

L78163	-----ATGGGTTCCATGCGT-CTATTAGTAGTGGCATTGTTG	36
U41657	-----	0
X90693	G----GCAAA-CAATGAACTCCCTTCGTGCTGTAGCAATAG-CTTTGTGTC	44
X90694	GCTCTTCAAAACAATGAACTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	40
L36156	-----CTCC-----TTAGCAACTT-CTATGTGG	22
X90692	-----AATGCTTGGT-----CTAAGTGCAACAGCTTTTTGTGCTGTATGG	38
L78163	TGT-----GCATTT-GCTATGCATGCAGGTTTTTCAGT---CTCTTATGC	77
U41657	-----	0
X90693	TGTATTGTG-----GTTGTGCTTGGAGGGTTACCCCTTCTCTTCAAATGC	88
X90694	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCTCCTCAGATGC	90
L36156	TGTGTTGTGCTTTTAGTTGTGCTTGGAGGACTACCCTTTTCTCCTCAGATGC	72
X90692	TGT-TTGTGCTAAT-----TGGAGGAGTACCCTTTT---CAAATGC	75
L78163	TCAGCTTACTCCTACGTTCTACAGAGAAACATGTCCAAATCTGTTCCCTA	127
U41657	-----	0
X90693	GCAACTTGATCCATCCTTTTACAGGAACACTTGTCCAAATGTTAGTTCCA	138
X90694	ACAACCTTAGTCCCACTTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	140
L36156	ACAACCTTAGTCCCACTTTTTACAGCAAAACGTGTCCAACTGTTAGTTCCA	122
X90692	ACAACCTAGATCCTTCATTTTACAACAGTACATGTTCTAATCTTGATTCAA	125
L78163	TTGTGTTTGGAGTAATCTTCGATGCTTCTTTCACCGATCCCCGAATCGGG	177
U41657	-----	0
X90693	TTGTTTCGTGAAGTCATAAGGAGTGTTTCTAAGAAAGATCCTCGTATGCTT	188
X90694	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	190
L36156	TTGTTAGCAATGTCTTAACAAACGTTTCTAAGACAGATCCTCGCATGCTT	172
X90692	TCGTACGTGGTGTGCTCACAAATGTTTCACAAATCTGATCCCGAATGCTT	175
L78163	GCCAGTCTCATGAGGCTTCATTTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	227
U41657	-----TTTCATGATTGCTTTGTTCAAGGTTGTGA	29
X90693	GCTAGTCTTGTGTCAGGCTTCATTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGTGA	238
X90694	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCATTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	240
L36156	GCTAGTCTCGTCAGGCTTCATTTTCATGACTGTTTTGTTCTGGGATGTGA	222
X90692	GGTAGTCTCATCAGGCTACATTTTCATGACTGTTTTGTTCAAGGTTGCGA	225
***** ** ***** . ** . ** *		
L78163	TGGATCAGTTTTGCTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	277
U41657	TGGATCAGTTTTACTGAACAACACTGATACAATAGAAAGCGAGCAAGATG	79
X90693	TGCATCAGTTTTACTAAACAAAACACTGATACCGTTGTGAGTGAACAAGATG	288
X90694	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	290
L36156	TGCCTCAGTTTTGCTGAACAATACTGCTACAATCGTAAGCGAACAACAAG	272
X90692	TGCCTCGATTTTGTGCTGAACGATACGGCTACAATAGTGAGCGAGCAAGTG	275
** ** . ***** . ** . ** * ** . ** . ** . ** . ** . **		
L78163	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	327
U41657	CACTTCCAAATATCAACTCAATAAGAGGATTGGACGTTGTCAATGACATC	129
X90693	CTTTTCCAAACAGAACTCATTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAAATC	338
X90694	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGAGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	340
L36156	CTTTTCCAAATAACAACCTCTCTAAGGGGTTTGGATGTTGTGAATCAGATC	322
X90692	CACCACCAAATAACAACCTCCATAAGAGGTTTGGATGTGATAAACAGATC	325
* . ***** * . ***** ***** . ** . ** * ** *		

L78163	AAGACAGCGGTGGAAAAATAGTTGTGCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	377
U41657	AAGACAGCGGTGGAAAAATAGTTGTGCCAGACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	179
X90693	AAAACAGCTGTGGAAAAGGCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	388
X90694	AAACTGGCTGTAGAAAGTGCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	390
L36156	AAACTGCTGTAGAAAAGTGCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	372
X90692	AAAACAGCGGTGGAAAAATGCTTGTCTTAACACAGTTTCTTGTGCTGATAT	375
	** . . . ** . ** . *** . . . ***** . *****	
L78163	TC'TTGCTATTGTCAGCTGAAATAGCTTCTGTT- CTGGGAGGAGGTCCAGGA	426
U41657	TC'TTGCTATTGTCAGCTGAAATAGCTTCTGTTGCTGGGAGGAGGTC-AGGA	228
X90693	TC'TTGCTC'TT'CTGCTGAATTATCATCTACA- CTGGCAGATGGTCCTGAC	437
X90694	TC'TTGCACTTGTCTGCTCAAGCATCCTCTGTT- CTGGCACAAGGTCTTAGT	439
L36156	TCTTGCACCTTGCT- --CAAGCATCCTCTGTT- CTGGCACAAGGTCTTAGT	418
X90692	TCTTGTCTCTTCTGCTGAAATATCATCTGAT- CTGGCAAAATGGTCTCTACT	424
	***** . ** . * . ** . * . * . * . * . * . * . * . *	
L78163	TGGCCAGTTCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	476
U41657	TGGCCAGTTCATTAGGAAGAAGGGACAGCTTAACAGCAAACCGAACCCCT	278
X90693	TGGAAGGTTCCCTTTAGGAAGAAGAGATGGTTTAAACGGCAAACCGATTACT	487
X90694	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAAACGGCAAACCGAACACT	489
L36156	TGGACGGTTCCTTTAGGAAGAAGGGATGGTTTAAACGGCAAACCGAACACT	468
X90692	TGGCAAGTTCATTAGGAAGAAGGGATAGTTTGACAGCAAATAATTCCTT	474
	*** . ***** . ***** . ** . * . * . * . * . * . . . *	
L78163	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA- -CCTCA-CTCAACTTA	523
U41657	TGCAAATCAAAACCTTCCAGCACCTTTCTTCAA- -CCTCA-CTCAACTTA	325
X90693	TGCTAATCAAAATCTTCCAGCTCC- -TTTCAATACTACTGATCAACTTA	534
X90694	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC- -ATTCAATTCCTTGGATCAACTTA	536
L36156	TGCAAATCAAAATCTTCCGGCTCC- -ATTCAATTCCTTGGATCAACTTA	515
X90692	TGCAGCTCAAAATCTTCTGCCCCCACTTTCAA- -CCTTA-CTCGACTAA	521
	*** . . ***** ***** . ** ** ***** * . . ** . ** . *	
L78163	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTTACT	572
U41657	AAGCTTCCTTTG-CTGTTCAAGGTCTCAACACCCTTGATTTAGTTTACT	374
X90693	AAGCTGCATTTG-CTGCTCAAGGTCTCGATACTACTGATCTGGTTGCACT	583
X90694	AAGCTGCATTT- ACTGCTCAAGGCCTCAATACTACTGATCTAGTTGCACT	585
L36156	AA-CTGCATTTGACTGCTCAAGGCCTCATTACTCCTGTTCTAGTTGCCCT	564
X90692	AATCTAACTTTGA-TAATCAAAACCTCAGTACTACTGATCTAGTTGCACT	570
	** ** . *** * . ***** . ***** . ** ** . * . * . * . *	
L78163	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAATAACC	622
U41657	CTCAGGTGGTCATACGTTTGGGAAGAGCTCGGTGCAGTACATTCAATAACC	424
X90693	CTCCGGTGTCTCATACATTTGGGAAGAGCTCATTGCTCTTTATTTGTTAGCC	633
X90694	CTCCGGGTGCTCATACATTTGGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	635
L36156	CTCCGGGTGCTCATACATTTGGGAAGAGCTCATTGCGCACAATTTGTTAGTC	614
X90692	CTCAGGTGGCCATACAATTTGGGAAGAGGTCAATGCAGATTTTTCGTTGATC	620
	*** **** ***** . ***** ** . **** . . . ** . * . . *	
L78163	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGAAACCCCTGATCCAACCTCTGAACACA	672
U41657	GATTATACAACTTCAGCAACACTGGGA- - -CTGATCCA-CT-TGGACACA	468
X90693	GATTGTACAACTTCAGCGGTACGGGAAGTCCCAGATCCAACCTCTTAACACA	683
X90694	GAT'GT'ACAACTTCAGCAGTACT'GGAAGTCCCAGATCCAACCTCTTAACACA	685
L36156	GATTGTACAACTTCAGCAGTACTGGAAGTCCCAGATCCAACCTCTTAACACA	664
X90692	GATTATACAAATTCAGCAACACTGGAAACCCGATTCAACTCTTAACACG	670
	**** ***** ***** . ** ** * ** * ** * . ***** .	

ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCAGAATGCAACTGGGGA	722
ACATACTTAGAAGTATTGCGTGCAAGATGCCCCAGAATGCAACTGGGGA	518
ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCAATGGTGGACCTGGCAC	733
ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCAATGGTGGACCTGGCAC	735
ACTTACTTACAACAATTGCGCACAATATGTCCAATGGTGGACCTGGCAC	714
ACCTATTTACAACATTGCAAGCAATATGTCCAATGGTGGACCTGGTAC	720
** ** *	
TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	772
TAACCTCACCAATTTGGACCTGAGCACACCTGATCAATTTGACAACAGAT	568
GAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAAATTTGACAAGAACT	783
AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAAATTTGACAAGAACT	785
AAACCTTACCAATTTTCGATCCAACGACTCCTGATAAAATTTGACAAGAACT	764
AAACCTAACCGATTGGACCACACACAGATACATTTGACTCCAACCT	770
.***** ***.**** * * . * **.***.*** *****. *. *	
ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	822
ACTACTCCAATCTTCTGCAGCTCAATGGCTTACTTCAGAGTGACCAAGAA	618
ATTACTCTAATCTTCAAGTGAAAAAAGGTTTGCTTCAAAGTGATCAAGAG	833
ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAGGGTTTGCTCCAAGTGATCAAGAG	835
ATTACTCCAATCTTCAAGTGAAAAAGGGTTTGCTCCAAGTGATCAAGAG	814
ACTACTCCAATCTCCAAGTTGGAAGGGCTTGTTTCAGAGTGACCAAGAG	820
* ***** *****.*** .. . **.*** ** . ***.***** *****.	
CTTTTCTCCACTCCTGGTGTCTGATACCATTCCCATTGTCAATAGCTTCAG	872
CGTTTTCTCCACTCCTGGTGTCTGATACCATTCC-ATTGTCAATAGCTTCAG	667
TTGTTCTCAACATCTGGTTCAGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCGC	883
TTGTTCTCAACTTCTGGTGCAGATACCATTAGCATTGTCAACAAATTCAG	885
TTGTTCTCAACTTCTGGTGCAGATACCATTAGCATTGTGCAGAAAATTCAG	864
CTTTTCTCCAGAAATGGTTCGACACTATTTCTATTGTCAATAGTTTCGC	870
..* ** * . *****.* ** ** ** *****.* *. ***.	
CAGTAACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	922
CG--AACCAGAATACTTTCTTTTCCAACCTTTAGAGTTTCAATGATAAAAA	715
AACCGATCAAAAAGCTTTTCTTTTGGAGGCTTTAGGGCTGCTATGATCAAAA	933
CACCGATCAAAAATGCTTTCTTTTGGAGGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	935
CACCGATCAAAAATGCTTTCTTTTGGAGGCTTTAAGGCTGCAATGATTAAAA	914
CAATAATCAAACCTCTCTTCTTTGAAAATTTGTAGCCTCAATGATAAAAA	920
. *.**.*. ** ***. *.***...* *.***** ****	
TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	972
TGGGTAATATTGGAGTGCTGACTGGGGATGAAGGAGAAATTCGCTTGCAA	765
TGGGAAATATTGGTGTGTTAACCGGGAACCAAGGAGAGATTAGAAAACAA	983
TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	985
TGGGCAATATTGGTGTGCTAACAGGGACAAAAGGAGAGATTAGAAAACAA	964
TGGGTAATATTGGAGTTTAACTGAGTCTCAAGGTGAAATTAGAACACAG	970
**** *****.**. *.** ***. *****.* ** * . **.	
TGTAATTTTGTGAA--TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	1007
TGTAATTTTGTGAA--TGGAGACTCGT-----TTGGATTAGC	800
TGCAACTTTGTTAATT-----CAAAATCAGCAGAACTTGGTCTTAT	1024
TGCAACTTTGTGAACTTTGTGAACTCAAATTTCTGCAGAACTAGATTTAGC	1035
TGCAACTT-----TGTGAACTCAAATTTCTGCAGAACTAGATTTAGC	1005
TG-----TAATGCTGTGAATGGGAATTCTTC-----TGGATTGGC	1005
** * * * *	



FIGURE 3A- (4)

L78163	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTGCTCAATCTAAAT	1057
U41657	TAGTGTGGCGTCCAAAGATGCTAAACAAAAGCTTGTGCTCAATCTAAAT	850
X90693	CAATGTTGCCCTC---AGCAG--ATTTCATCTG-AGGAGGGTATGGTTAG--	1066
X90694	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGTATTGCTAGTG	1082
L36156	CACCATAGCATCCATAGTAG--AATCATTAG-AGGATGGAATTGCTAGTG	1052
X90692	TACTGTAGTCACCAA---AG--AATCATCAG-AAGATGGAATGGCTAGCT	1049
	* .*. * . * . * . * . * . * . * . * . *	
L78163	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTAGCATGTAAAGGCAAA	1107
U41657	AAACCAATAATTAATGGGGATGTGCATGCTAGCTACGATGTAAAGGCAAA	900
X90693	-----CTCAATGTAAA-TG-TAG	1082
X90694	TAATATAAATAAATTAG-----CGTAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1124
L36156	TAATATAAATAAATTAG-----CGAAAATGCACTTATTGAA-ATCTTG	1094
X90692	CATTCTAAAT--ATAAG-----CTTGAAAATATTGAAGAGGTTCTAT	1090
	. . . . *	
L78163	TTAGGTTGTAAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	1157
U41657	TTAGGTTG-AAACCTCTTTGCTAGCTATATTGAAATAAACCAAAGGAGTA	949
X90693	T--GATTGGAAGCAACTAA--TAAATTAAGAAGCTATAAC-----T	1119
X90694	T--GACTAGATGCCACTAA--TAAAT----AAGTTATAAC-----T	1157
L36156	T--GACTAGATCCCCTAA--TAAAT----AAGTTATAAC-----T	1127
X90692	A--ATTTTGTGCATACATA--TATGGTATGTG-----	1118
	. . . * . . . * . . . * . . .	
L78163	GTGTGCATGTCAATTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATAT-----	1200
U41657	GTGTGCATGTCAATTCGATTTTGC-CATGTACCTCTTGGAATATTATGTA	998
X90693	ATGCACATT-CATGGTATGTGTGAGATAGTTATTAGATGCTTTGTGAGCA	1168
X90694	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATTTTCATGCCT-GTATATGAG-----	1200
L36156	AGGCACATTTTCATGTCACTTGAAATCCTATGCCTTGTATATTAGAGGACG	1177
X90692	-----CATGTGGTGTA--TTATGTTTTTGTATGTTCTTCAAGTTGATCA	1161
	** . . . . * . . . * . . . .	
L78163	-----	1200
U41657	ATAATTATTTGAATCTC-----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAA	1031
X90693	AAAATCTTTTGGATTTC---ATTTGAAGTGTTTCT---	1200
X90694	-----	1200
L36156	TGT-TCTT-----C-----TTGGTATTATACTA--T	1200
X90692	GGGA-CTGTAGAAGCTCCCTAATAATATTTGTGTCAAAGT	1200









FIGURE 4

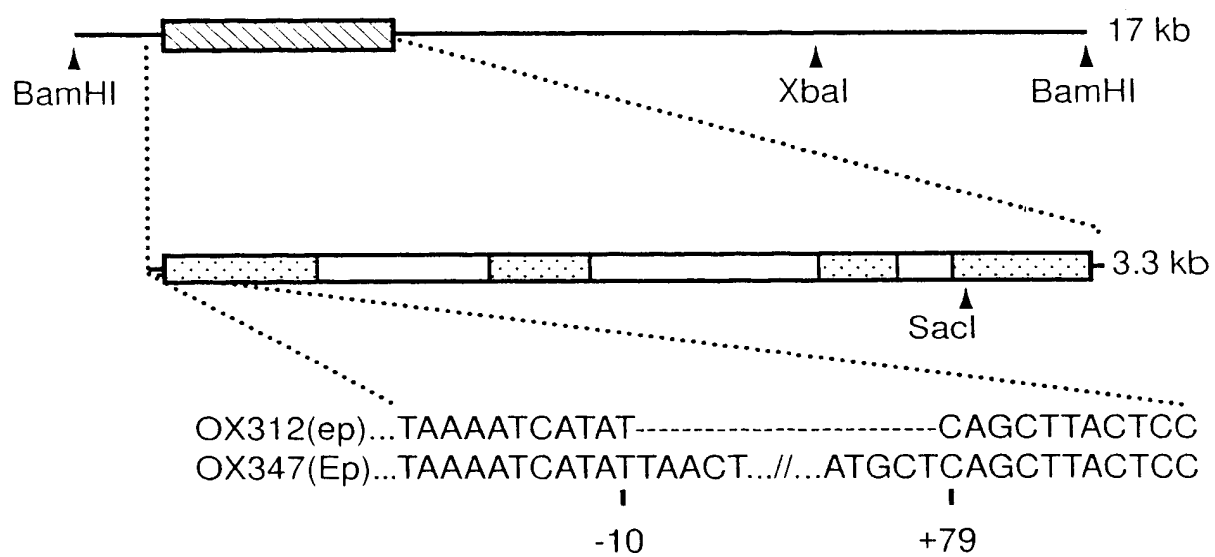


FIGURE 5

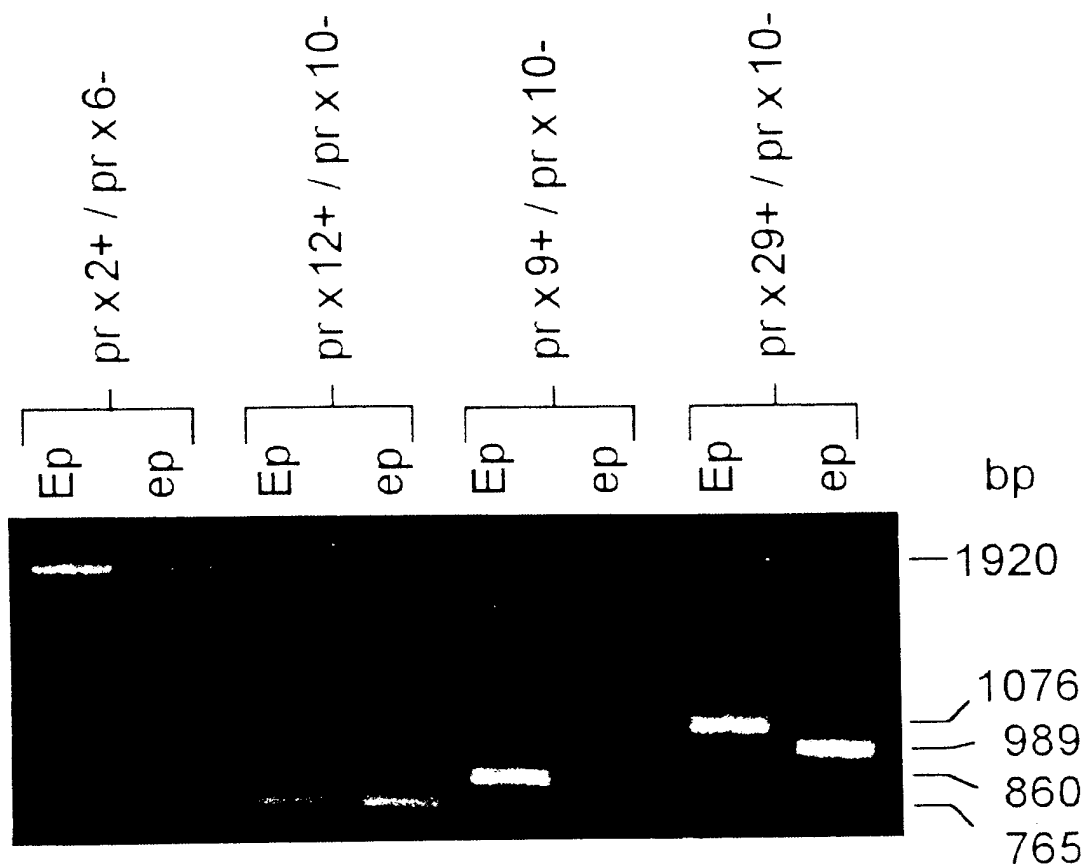


FIGURE 6

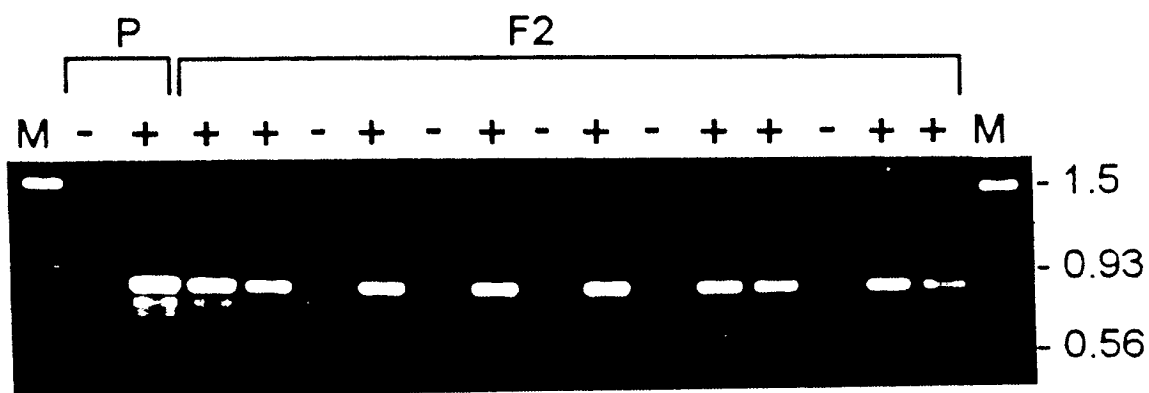


FIGURE 7A

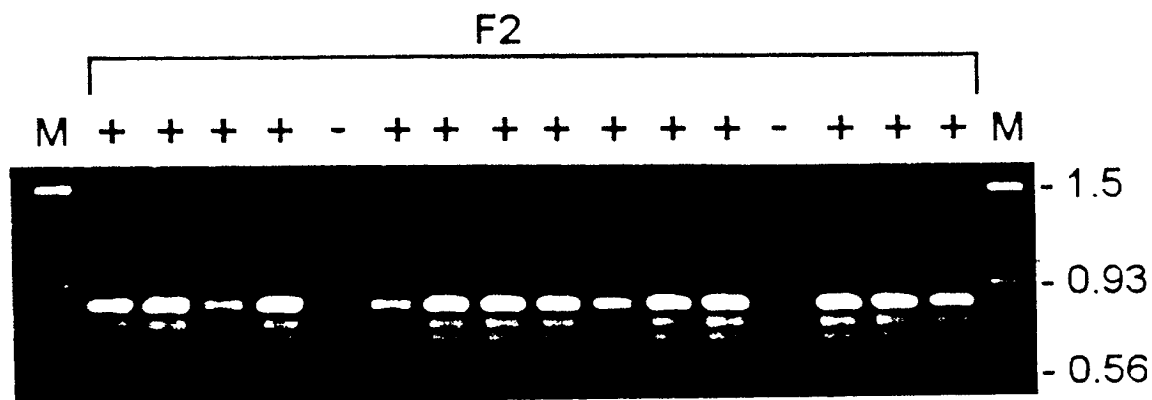


FIGURE 7B

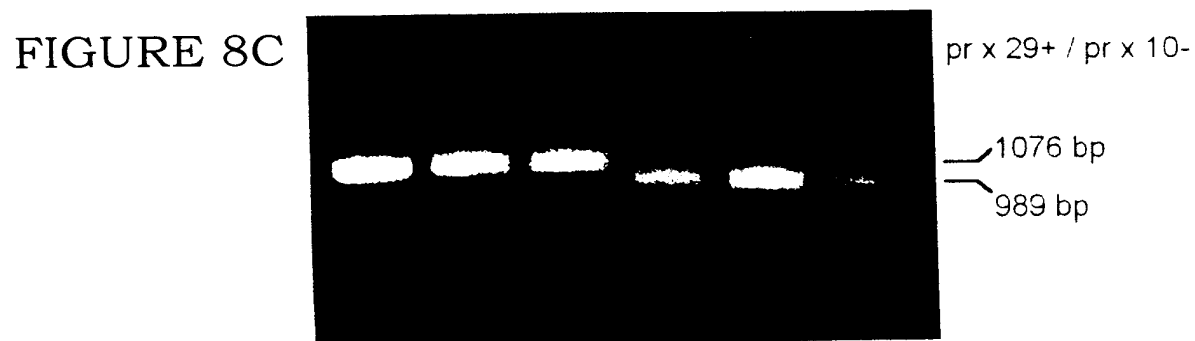
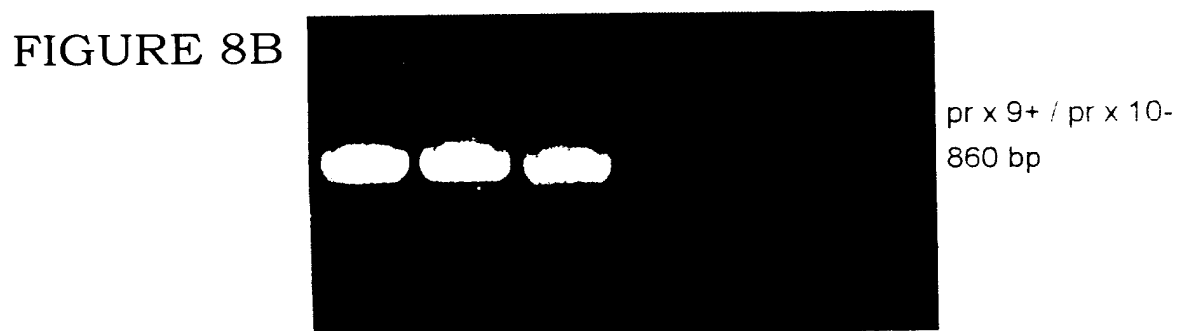
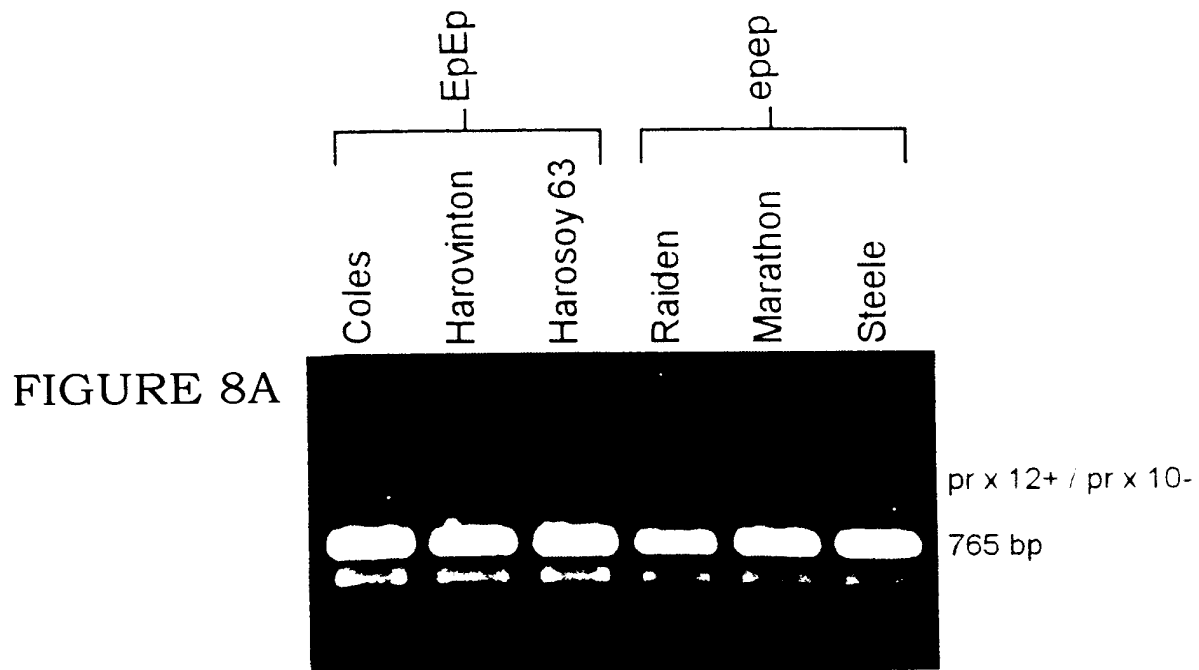




FIGURE 9A



FIGURE 9B

